

Figure 1. *Arabidopsis thaliana* *FAE1* promoter:  
(Length: 934 bp)

```

-950   ACTCA TAAAACTAG TAGATTGGTT GGTGGGTTTC CATGTACCAG
                                     AtpproFW →
-900   AAGGCTTACC CTATTAGTTG AAAGTTGAAA CTTTGTTCOC TACTCAATTC
-850   CTAGTTGTGT AAATGATGTG ATATGTAATG CGTATAAAAC GTAGTACTTA
-800   AATGACTAGG AGTGGTTCTT GAGACCGATG AGAGATGGCA GCAGAACTAA
-750   AGATGATGAC ATAATTAAGA ACCAATTTGA AAGGCTCTTA GGTTCGAATC
-700   CTATTCGAGA ATGTTTTTGT CAAAGATAGT GGCGATTTTG AACCAAGAA
-650   AACATTTAAA AAATCAGTAT CCGGTTACGT TCATGCAAAAT AGAAAGTGGT
-600   CTAGGATCTG ATTGTAATTT TAGACTTAAA GAGTCTCTTA AGATTCAATC
-550   CTGGGTGTGT ACAAAACTAC AAATAATATA TTTTAGACTA TTTGGCCTTA
-500   ACTAACTTC CACTCATTAT TTACTGAGGT TAGAGAATAG ACTTGCGAAT
-450   AAACACATTC CCGAGAAATA CTCATGATCC CATAATTAGT CAGAGGGTAT
-400   GCCAATCAGA TCTAAGAACA CACATTCCTT CAAATTTTAA TGCACATGTA
-350   ATCATAGTTT AGCACAATTC AAAAATAATG TAGTATTAAA GACAGAAATT
-300   TGTAGACTTT TTTTGGCGT TAAAGGAAGA CTAAGTTTAT ACGTACATTT
-250   TATTTTAAGT GGAAAACCGA AATTTTCCAT CGAAATATAT GAATTTAGTA
-200   TATATATTTT TCGAATGTAC TATTTTGCTA TTTTGGCAAC TTTCACTGGA
-150   CTACTACTTT ATTACAATGT CTATGGATGC ATGAGTTTGA GTATACACAT
-100   GTCTAAATGC ATGCTTTTGA AAACGTAACG GACCACAAA GAGGATCCAT
-50   GCAATACAT CTCATAGCTT CCTCCATTAT TTTCCGACAC AACAGAGCA
                                     ← AtpproRV
  ATGACGTCCG TTAACGTTAA GGTCTT

```

Figure 2. *Brassica napus* FAE1 promoter:  
(Length: 1588 bp)

```

-1600 GGTGGGGCAA ATCTGACTTC ACCAAAGAAA CAACTCGAGT CGTTATCCAT
                                     BnproFW →
-1550 CTCCTCATTA GCATCGGTCC ACTCTTTGCC TTCACCGTTT TCGGTTCGGT
-1500 TCTCTACATC GCAACCCGGC CCAAAACCGGT TTACCTCGTT GAGTACTCAT
-1450 GCTACCTTCC ACCAACGCGT TGTAGATCAA GATCTCCAA GGTGATGGAT
-1400 ATCTTTTATC AASTAAGAAA AGCTGATCCT TCTCGAAGC GCACGTGCGA
-1350 TGACTCGTCC TGGCTTGACT TCTTGAGGAA GATTCAAGAA CGTTCAGGTC
-1300 TAGGCGATGA AACTCAGGG CCCGAGGGGC TGCTTCAGGT CCTCCCCGG
-1250 AAGACTTTTG CGGCGGCGCG TGAAGAGACG GAGCAAGTTA TCATTGGTGC
-1200 GCTAGAAAAT CTATTCAAGA ACACCAACGT TAACCCTAAA GATATAGGTA
-1150 TACTTGTGGT GAACTCAAGC ATGTTTAATC CAACTCCATC GCTCTCCGG
-1100 ATGGTCGTTA ACACTTTCAA GCTCCGAAGC AAGCTAAGAA GCTTTAACCT
-1050 TGGTGGCATG GGTGTAGTG CCGCGGTAT AGCCATTGAT CTAGCAAAGG
-1000 ACTTGTGCA TGTCCATAAA AATACGTATG CTCTGTGGT GAGCACAGAG
-950 AACATCACTT ATAACATTTA CGCTGGTGAT AATAGGTCCA TGATGGTTTC
-900 AAATTGCTTG TTCCGTGTTG GTGGGGCCGC TATTTTGCTC TCCAACAAGC
-850 CTGGAGATCC TAGACGGTCC AAGTACGAGC TACTTCACAC GGTTCGAAC
-800 CATACCGGAG CTGACGACAA GTCTTTTCTG TCGGTGCAAC AAGGAGACGA
-750 TGAGAACGGC AAAATCGGAG TGAGTTTGTC CAAGGACATA ACCGATGTTG
-700 CTGGTCGAAC GGTAAAGAAA AACATAGCAA CGTTGGGTCC GTTGATTCTT
-650 CGTTAAGCG AGAAACTTCT TTTTTCGTT ACCTTCATGG GCAAGAACT
-600 TTTCGAAGAT AAAATCAAC ATTACTAGCT CCGGACTTC AACTTGCTA
-550 TTGACCATTT TTGTATACAT GCGGAGGCA GAGCGGTGAT TGATGTGCTA
-500 GAGAAGAACC TAGCCCTAGC ACTGATCGAT GTAGAGGCAT CAAGATCAAC

```



Figure 3. *Lunaria annua* *FAE1* promoter:  
(Length: 1069 bp)

```

-1100          CG CCGGGGAGTT TCAGCTTAAC CCGTAAAAAT
                                     LaproFW →
-1050 GGCCTGTACA TATATTTACC ACTGAGTAAA GACATCAGTT AATGATTTGT
-1000 TGTACTCAA TTGGGCTAAG TGTATTATTA TATGTGTTGT ATATAATAAA
-950 GGTAGAACGT AAATTTACTA AGAATGTGTT TTCCAATGT GATTGCTCTT
-900 TGGCCTCTTA GCTTTGAATC CTACTCGAGA AGACTAATTT TATTTACTG
-850 GCAAAAATAG AATCAATTT ATAAGTGTTC AACCAATCG ATGGTATAAC
-800 TGATTAGTGA TCACTCTTAG GTTTTGATCC AACTCGAGTA TTGAGTATTG
-750 AACGCTTTTT TTAAATAAAA TCTTGATTTT TAAATTGGTT TTTTGAGTAA
-700 AAAAGTTCTT AATATTTTCT CTTTGTTTTA ATGGGTTTGT TTTGCATTTT
-650 ATAAGCTTAA TTTTCTAAT TTAATATTTT ATCTATCATC GTCCGTAAAG
-600 TTTTATTTGG CACAAACTTG TTTTACTTTT CTACCTTATA ATTTGGGAAC
-550 TGGTTGAGTC AAAGCGTACC GGACAAATAT GTTTTATATT CTTATTTAAG
-500 AATTAACACT CATCTCATAA TTAGTCAGAG GCTAGGGAGA TTCAGCCAAT
-450 CAATGCTAAC AACAAAATTC TCTTAATGAT CTAACGATGC TATTTAATAT
-400 TCGGATCAGT ATTCTTAAAT AGAATATAA AACTAATTCA ATAGTTACAG
-350 ATAAAAACTT ATATAGACTT TTTTATTTGG AATATAAAAG TATCAATATA
-300 ATATAGACAA TATTTATAAC GTTAAAAATA CAATATTTAT ATTTTATATA
-250 TATTTATTTT AAATTGAAAA GCATTACTTC TATCGAATG AATTTTAGTA
-200 TATTAATTAA TATTTTTTTA ATCGGACTAC TTTCTATTT TGGCACCTTT
-150 CATCTGACTA CTAATTTACT TCAATGTGTA TGCATGCATG AGCATGAGTA

```

```

-100 ATACACATGT CTATATAAAT GCATGTAAAA CGTAACGGAC CACAAAAGTG
-50 GATCCATACA AATACATCTC ATCGCACCCCT CTCCGACACA AAACTGAACA
      : ATGACGTCTG TGAACGTAAG ACTCGTTTAC CATTACGTCA TAACCAACTT
      :                                     ← LaproRV
51  TTTCAACCTG TGTTCCTTCC CACTGACGGG GATCCTCGCC GCAAAAGGCT
      :                                     ← Lawalk2
101 CTCGTCTTAC CACAAAACGAT CTCCACCA
      :                                     ← Lawalk1

```

\*\*\*\*\*

A. t. TTGGTTCCTCA--TGTACCAGGAAGGCTTACCCCTAT-TAGTTGAAAGTTTGAACCTTTGTGTTCC  
L. a. TTGTTACTCAATTGGGCTAAGTGATTATTATAT-GTGTTGTATATAATAAAAGGTAGAAC  
B. n. ACTTGTGTGCATGTCCATAAAATACGATGCTCTTGTGGTGAGCACAGAGAACATCACCT  
\* \* \* \* \*

Con. 4 WYKKKWYBCANNSTSBRYHARRWKDKMTAYBMTMTNKWGKTGWRHRYWRWRAMBDTVDHHY

A. t. CTACTCAATTCCTAGTTGTGTAAATGT---ATGTATATGTAAT---GCGTATAAAACGTA  
L. a. GTAA--ATTCTACTAAGAATGTGTTTTTCCAATGTGATTGCTCTTTGGCCCTCTTAGGTTTG  
B. n. ATAA-CATTTACGCTGGTGATAATAGGTCCATGATGGTTTCAAATTGCTTGTTCGGTGT  
\* \* \* \* \*

Con. 4 VTAMNNNAWTTMCMMDKDKRTRWWWKKNNNATGWDDDTKYHMMNNNGCBTVTWVRYKTD

A. t. GTACTTAAATGACTAGGAGTGGTTCCTTGAGACCGATGAGAGATGGGAG-CAGAACTAAAG  
L. a. AATCCTACTCGAGAAG-ACTAATTTTAAATTTACTGGCAAAAATAGAAA-TCAATTTATAA  
B. n. GGTGGGGC-CGCTATTTTCTCTCCACAAGCGCTGGAGATCGTAGACGGTCCAAGTACGA  
\* \* \* \* \*

Con. 4 RDWSEKRMNYGMBWWKNWSYDVITYYWWVWDDMCKRKVRVRVTRGRMRNYMVAVBTARR

A. t. AT--GATGACATAATTA-----AGAACGAATTTGA-AAGG-CTCTTAGGTTTGAATCCT  
L. a. GT--GTTTAAACAAATCGATGGTATAACTGATTAGT-GATCACTCTTAGGTTTGTATCCA  
B. n. GCTAGTTTACACCGGTTTCGAACCGATACCGGAGCTGACGACAAGTCTTTTCTGTGCGTCCA  
\* \* \* \* \*

Con. 4 RYNNGWTBAMAYRRWTMNNNNNNNAKAMCKRAKYWGNRABVNSTCTTWKSKTTKVRTSCW

A. t. ATTCGAGAATGTTTTTGTCAAAGATAGTGGCGATTTTGAACCAAAGAAAACATTTAAA-A  
L. a. ACTCGAGTATTGAGTATTGAACGCTT-----TTTTTAAATAAAATCTTGATTTTAA-A  
B. n. A--CAAGGA-GACGATGAGAACGGCAA-----AATCGGAGTGAGTTTGTCCAAGGACATA  
\* \* \* \* \*

Con. 4 ANNCRAGDANKDKHKWWSAAMGVYWNNNNNNNWNTYKKARHBARWDWWHSAWKWKHANA

A. t. AATCAGTATCCGGTTAC----GTTTCATGCAAATAGAAAGTGGTCTA--GGATCTGATT-  
L. a. ATTGGTTTTTTGAGTAAAAAAGTTCCTTAATATTTCTCTTTGTTTTAATGGGTTTGTGTT-  
B. n. ACCGATGTTGCTGGTTCGAACGGTTAAGAAAAACATAGCAACGTT-----GGGTCCGTTGA  
\* \* \* \* \*

Con. 4 AHYSRKKTBYKRRKTMVNNNNGTTHWKRMWAWYWKMDMDWBGTYNNNNNGGRTYYGWTKN

A. t. GTAATTTTACA--CTTAAAGAGTCTC--TTAAGATTCAATCCTGGCT-GTGTACAAAAC  
L. a. TGCATTTTATAAGCTTAATTTTCTAATTTAATATTTATCTATCATCTCGCTAAAGTT  
B. n. TTCTTCCSTTAAGCGAGAAACTCTTT--TTTTTCGTTA--CCTTCATGGGCAAGAACTT  
\* \* \* \* \*

Con. 4 HKMNTYVYKKAANNCKWRWDHKTCTHNNNTTWKMKTYWNNCYWKSMTNGKSHRBAAAVT

A. t. ACAAAATAATATA----TTTTAGACTATTTGGCCTTAACATAAAGTTCCA-CTCATTATTTA  
L. a. TTATTTGGCCAAACTTGTGTTTACTTTTTCTACCTTA--TAATTTGGGAAGTGGTTGAGT-  
B. n. TTCAAAGATAAAATCAACATTACTACCTCCCGGATTTCAACCTTGTATTGACCATTT  
\* \* \* \* \*

Con. 4 WYKGGWRDWWHMMNNKQYWKWCTYVYVYVTCAGWNNYBAWYTHSKNYTSPYVYKTY

A. t. -TTCAGGTTAGAGAA--TAGACTTCGGAATAAAGACATTCCCGAGAAATCTCATGATCC  
L. a. -TAAAGTGTACCGCA--TAAATATGTTT-CATATTCTTATTTAAGAAATTAACAGTCACT-  
B. n. TGTATACATCTCGAGGAGACAGAGTGTGATTGATGTCTCTAGAGAAAGATATGCCCTAGCA  
\* \* \* \* \*

Con. 4 NSWWRBSCTRSMPANNYAPABHYCHWNTNRWBWSHTWBHBRAGAANYWMBMMYBAKCH

CE3

A.c. CATAATTAGTCAGAGGGTATG-----CCCAATCAGATCTAAGAACACACATTCCCTG  
L.a. CATAATTAGTCAGAGGCTAGGGAGATTGAGCCAATCAATGCTAACAAACAAA-ATTCTCTT  
B.n. CCCGATCGATGTAGAGGC-----ATCAAGATCAAAGTTACATAGATTTTGG  
\* \* \* \* \*

Con.4 CMKAWYKAKKYAGAGGSNNNNNNNNNNNNNNNNNATCARDDYYAASRWYAMANAkWYYYKB

A.c. AA--ATTTTA--ATGCCAC-ATSTAATCAT-----AGTTT-----AGCACAAATTCAAAA  
L.a. AATGATCTAACGATGCT--ATTTAATATTGGGATCAGTATTCTTAAATAAGAATATAAAAA  
B.n. AAAACACTTCATCTAGCTCAATATGGTATG-----AGTTGGCATACAT-ACAAG-CAAAA  
\* \* \* \* \*

Con.4 AANNAYYTHANNWGWGNNAOTDRRTMWKNNNNNNNAGTWKNNNNNNNAKWASAANKNYAAAA

A.c. ATAATGTAGTA-TTAAAGACAGAAATTTGTA--GACTTTTTT---TTGGCST-TAAAGG  
L.a. CTAATTCAATAGTTACAGATAAAAACTTATATAGACTTTTTTAT--TTGGAATATAAAAG  
B.n. GGAAGGATGAA-GAAAGGTAATAAAGTTTGGCAGATTGCTTTAGGGTCAGGCTTTAAGTG  
\* \* \* \* \*

Con.4 VKAAKKHWRWANKWAMRGWHADAAAABTTDKRNGAYTKYTTTNNNNNTYRGVVTNTAARDG

A.c. AA-----GACTAAGTTTATA-CGT-----ACATTT-TATTTTAAAGT  
L.a. TATCAATATATTATA-GACAATATTTATAACGTTAAAAATACPATATTTATATTTTTAT  
B.n. TAACAGTGCAGTTTGGGTGGCTCTAAACAATGTCAAAGCTTCGACAAATAGTCCTTGGGA  
\* \* \* \* \*

Con.4 WANNNNNNNNNNNNNNNGWSDMWVTWWAYANYGTNNNNNNNNNNNAYAWWTNKWYTTDDRW

CE1

A.c. GGA-----AAACCGAAATT--TTCATCGAAAATATATGA--ATTT-AGTATAT----  
L.a. ATATTTATTTCAAATTGAAAAGCATTACTTCTATCGAAATGA--ATTTTAGTATATTPAT  
B.n. ACACT-----GCATCGACAGATACCCGGTCAAATTTGATTCTGATTGAGSTAAGTCAGA  
\* \* \* \* \*

Con.4 RBAYTNNNNNNRMAYYGAYADDYAYMSDTCDAWMKWDTAKMNNATTYNRGTAWRNTNNNN

G-box2

A.c. --ATATTTCTGCAAT-----GTACTATTTTGCTATTTTGGGCA-CTTCAGCTGGACTAC  
L.a. TAATATTTTTTTAATC-----GGACTACTTTTCTATTTTGGCAG-CTTCATCTGACTAC  
B.n. GACTCGTGTGCAAAACGSGTGGTCTTAATAAAGSATGTTTGCTCTCTTTCTGTTT--GTTT  
\* \* \* \* \*

Con.4 NNMtMKTKYYBHAAWNNNNNNGKMCTAHTWVCATKTTHGOWMNCTTTCRKYNKNNCTWY

G-box1

A.c. TACTTTATTACAAATGTGT--ATGGATGC-ATGAG--TTTGAGTA-TACACATGTCTAAA  
L.a. TAATTTATTTCAATGTGT--ATGCATGC-ATGAG--CATGAGTAATACACATGTCTATA  
B.n. TTATTTGTTATAATAATTGATGGCTACGATGTTTCTCTGTTTGTATGAATAAAGAAT  
\* \* \* \* \*

Con.4 TWMTCTRTTWYAATRWNNTNATGSMTRCNATGWNKNNNYWTGWNTRWTAYRMAFRMMKAHW

G-box3      TM1    TM2

A.c. TGCATGCT-TTGCAAAACGTAACGGGACC-ACAAAAGAGGATCCATGGAAATACATCTCAT  
L.a. TAAATGCA-T-GTAAAACGTAACGGGACC-ACAAAAGTGGATCCATACAAATACATCTCAT  
B.n. GCAATCGTGTCTTASTATTGATTTGTTTACATCTATGATCTCTT-ATTTCATGAAT  
\* \* \* \* \*

Con.4 KVMATGSWNTNSYARWAYKTRAYKSWYNNACAWBRWRWGKATCYMTDNAXWTADATSKMAT

A.c. AGC-TTCCTCCATTATTTTCCGACACAAAA-CAGAGCA---  
L.a. CGC-ACCCTC-----TCGACACAAAAACTGAACA---  
B.n. TTTTAAACGCC-----TAAAAAAAAAACGGAAATCCG  
\* \* \* \* \*

Con.4 HKYNWHECKCINNNNNNNNNTMMRAMAMAAAACDGARYWNWN



Figure 5: Alignment of *A.t.* and *L.a.* *FAE1* promoters  
 CLUSTAL W (1.74) multiple sequence alignment

```

A.t. -----ACTCATAA
L.a. GGGCGGGGAGTTTCAGCTTAACCGGTAATAATTGGCCTGTACATATATTTACCACTGAGTA
Con.5 ***
ACTSAKWA

A.t. AACTAGTAGAT--TGGTTGGTTGGTTTCCA--TGTACCAGAAGGCTTACCTATTAGTT
L.a. AAGACATCAGTTAATGATTTTGTCTTACTCAATTGGGCTAAGTGTATTATTATATGTGTT
Con.5 **
AARMYAKYAGWTNNTGRTTKGTTGKTYWCANNTGKRCYARRWGMKTAYMYMTATKWGTT

A.t. GAAAGTTGAAACTTTTGTCCCTACTCAATTCCCTAGTTGTGTAAATGT---ATGTATAIST
L.a. GTATATAATAAAGGTAGAACGTAA--ATTTACTAAGAATGTGTTTTTCCAATGTGATTGC
Con.5 *
GWAWRTWRWAAMKKTRKWMCMSTAMNNAWTTMCTARKWRTGTRWWTKTNNNNATGTRWWTGY

A.t. AAT---GCGTATAAAACGTAGTACTTAAATGACTAGGASTGGTTCTTGAGACCGATGAGA
L.a. TCTTTGGCCTCTTAGGTTTGAATCCTACTCGAGAAG-CTAATTTTAAATTTACTGGCAAA
Con.5 *
WMTNNGCSTMTWARRYKTRRWWCYTAMWYGASWAGNASTRTTTYTRWKWMCKRKSARA

A.t. GATGGGAGCAGAACTAAAGATGATGACATAATTA-----AGAACGAATTTGAAAGG-CT
L.a. AATAGAAATCAATTTATAAGTGTTTAAACAAATCGATGGTATAACTGATTAGTGATCACT
Con.5 *
RATRGRARYMRAWYTAWARRTGWTKAMAYAATMNNNNNNNAKAACKRATTWGWRAKSNT

A.t. CTTAGGTTTGAATCCTATTCGAGAATGTTTTTGTCAAAGATAGTGGCGATTTTGAACCAA
L.a. CTTAGGTTTGTATCCAACTCGAGTATTGAGTATTGAACGCTT-----TTTTTAAATAA
Con.5 *
CTTAGGTTTKRATCCWAYTCGAGWATKKWKTWKTSAAMGMTWNNNNNNNTTTTKAAMYAA

A.t. AGAAACATTTAAAAAATCAGTATCCGGTTAC----GTTTATGCAAATAGAAAGTGGTCT
L.a. AATCTTGATTTTAAATTTGGTTTGTGAGTAAAAAAGTTCTTAATATTTTCTCTTTGTTT
Con.5 *
ARWMWWSATTTWAAAWNTSRATWTYYGRKTAMNNNNNGTTCTWRMWANTWKMMWMTKGTTT

A.t. A---GGATCTGATTGTAATTTTAGA--CTTAAGAGTCTCT--TTAAGATTCAATCCTGSC
L.a. TAATGGGTTTCTTTTGCATTTTATAAGCTTAATTTTCTAATTTAATATTTTATCTATCA
Con.5 *
WNNNGGRTYTGWTTTKWATTTTAKANNCTTAAWKWKCTMTNNNTTAAKATTYWATCYNKSX

A.t. T-GTGTACAAAACCTACAAATAATATA----TTTTAGACTATTTGGCCTTAAGTAAACTTC
L.a. TCSTCCGTAAGTTTATTTTGGCACAAACTTGTCTTACTTTTCTACCTTA--TAATTTGG
Con.5 *
TNGTSSYAAARYTWYAWWTBRYAYANNNTKTWKACTWTTTYKRCCTANNTAAWYTKS

A.t. GAAGTGGTTGAGT-GAAGGCTACCGGACAAATATTTT-TATATTCTTATTTAAGAATT
L.a. GAAGTGGTTGAGT-GAAGGCTACCGGACAAATATTTT-TATATTCTTATTTAAGAATT
Con.5 *
SANTSTFTTRWKTNDWPASHTASMGSAAYAYWTYKWNNTAWAYWNTWYVYPAQANT

A.t. -432 ACTCATGATCCGATAAATTAGTCAGAGGGSTATG-----CAATCAGATCTAAGAACA
L.a. AACACTCATGCTATAAATTAGTCAGAGGGTAGGGAGATTGAGCCAATCAATGCTAACRACA
Con.5 *
AMYMMTSATCYCATAAATTAGTCAGAGGGTAKGNNNNNNNNNNCCAATCARWKCTAASAACA

```

Figure 5 Continued: Alignment of *A.t.* and *L.a.* *FAE1* promoters

<i>A.t.</i>	-381	CACATTCCCTCAA--ATTTTA--ATGCACATGTAATCAT-----AGTTT-----AGCA
<i>L.a.</i>		AA-ATTCTCTTAATGATCTAACGATGCT-ATTTAATATTCGGATCAGTATTCTTAAATAA
		* * * * *
<i>Con.5</i>		MANATTCTCTYAANNATYTWANNATGCWNATKTAATMWTNNNNNNAGTWTNNNNNNNAKMA
<i>A.t.</i>	-337	CAATTCAAAAATAATGTAGTA-TTAAAGACAGAAATTTGTA--GACTTTTTT--TTGGCG
<i>L.a.</i>		GAATATAAACTAATTCAATAGTTACAGATAAAAACTTATATAGACTTTTTTATTGGGA
		* * * * *
<i>Con.5</i>		SAATWYAAALMTAATKYARTANTTAMAGAYAAAAYTTRTANNGACTTTTTTNNNTTGMH
<i>A.t.</i>	-232	T-TAAAGGGA-----GACTAGTTTATA-CGT-----ACATTT-TAT
<i>L.a.</i>		TATAAAAGTATCAATATATTATAGACAAATTTTATAACGTTAAAAATACAATATTTATAT
		* * * * *
<i>Con.5</i>		TNTAAARGWANNNNNNNNNNNGACWAWRTTTATANCGTNNNNNNNNNNAYATTTNTAT
<i>A.t.</i>	-247	TTTAAGTGGA-----AAACCGAAATT--TTCCATCGAAATATATGAATTT-AGTATA
<i>L.a.</i>		TTTTTATATATTTTATTTCAAATTTGAAAAGCATTACTTCTATCGAAATGAATTTTAGTATA
		* * * * *
<i>Con.5</i>		TTTWRTTRKANNNNNNNNNAAAYYGAAAWKNNTTMCWTCKAWMKAWATGAATTTNAGTATA
<i>A.t.</i>	-198	T-----ATATTTCTGCAAT-GTACTATTTTGTATTTTGGCACTTTTCAGTGGACTACT
<i>L.a.</i>		TTAATTAATATTTTTTAAATCGGACTACTTTCTATTTTGGCACCTTTTCATCTGACTACT
		* * * * *
<i>Con.5</i>		TNNNNNNATATTTYTKYAATNGKACTAYTTTCTATTTTGGCAMCTTTCAKYKGACTACT
<i>A.t.</i>	-145	ACTTTATTACAATGTGTATGGATGCATGAGTTTGAGTA-TACACATGTCTAAATGCATGC
<i>L.a.</i>		AATTTATTTCAATGTGTATGCATGCATGAGCATGAGTAATACACATGTCTATATAAATGC
		* * * * *
<i>Con.5</i>		AMTTTATTWCAATGTGTATGSATGCATGAGYWTGAGTANTACACATGTCTAWATRMATGC
<i>A.t.</i>	-86	TTTGCAAAACGTAACGGACCACAAAAGAGGATCCATGCAAATACATCTCATAGCTTCCTC
<i>L.a.</i>		AT-GTAAACGTAACGGACCACAAAAGTGGATCCATACAAATACATCTCATCGCACCTC
		* * * * *
<i>Con.5</i>		WTNGYAAACGTAACGGACCACAAAAGWGGATCCATPCAAATACATCTCATMGCWYCCCTC
<i>A.t.</i>	-26	CATTATTTTCCGACACAAA-CAGAGCA
<i>L.a.</i>		-----TCCGACACAAAACGAGCA
		* * * * *
<i>Con.5</i>		NNNNNNNNTCCGACACAAACWGAGCA

Figure 6

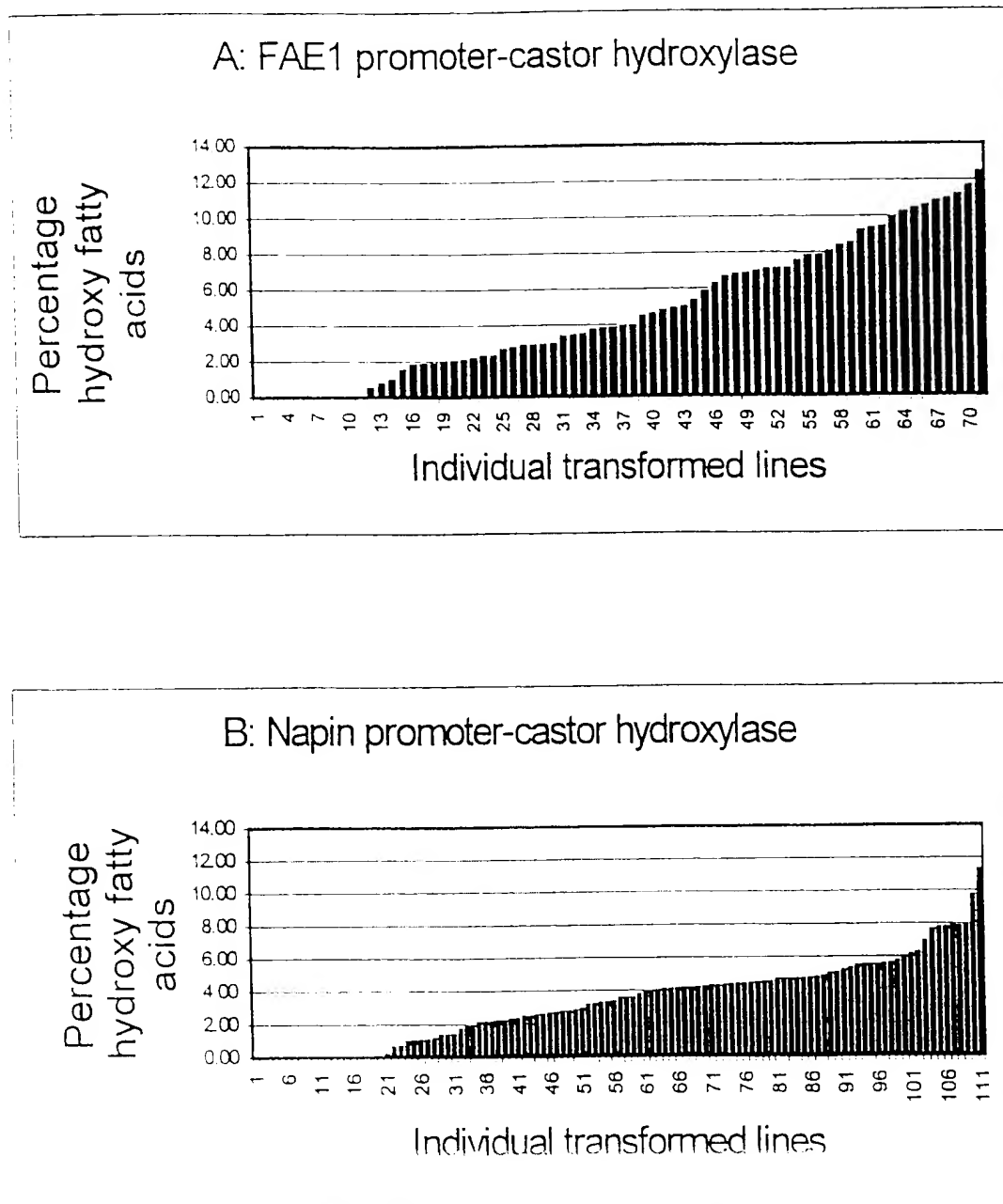


Figure 7: Alignment of *B.n.* and *La.* *FAE1* promoters

CLUSTAL W (1.31) multiple sequence alignment

```

BnFAE1      GGTGGGCAATCTGACTTCACCAAGAAACAACCTCGAGTGGTTATCCATCTCCTCATAA 60
LaFAE1      -----

BnFAE1      CCATCGCTCCACTCTTTTSCCTTCACCGTTTTTGGGTGGGTTCTGTACATGGCAAGCCGGC 120
LaFAE1      -----

BnFAE1      CCAAACCGGTTTACCTCGTTGAGTACTGATGCTACCTCCACCAACGCATTGTAGATCAA 180
LaFAE1      -----CGCCGGGGAGT-ATCAGCTTAACCGGTAATAATTGGCTGTACATATA 46
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      GTATCTCCAAGGTCATGGATATCTTTTATCAAGTAAGAAAAGCTGATCCTTCTCGGAACG 240
LaFAE1      TTTACCACTGAGT-AAAGACATCAGTTAATGATTT-----GTGTACTCAATTGGGCT 99
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      GCACGTGCGATGACTCGTCTGGCTTGACTTCTTGAGGAAGATTCAAGAACGTTGAGGTC 300
LaFAE1      AAGTGTATTATTATATGTGTG-----TATATAATAAAGGT---AGAACGT--AAATT 147
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      TAGGCGATGAAACTCACGGGCGCGAGGGGCTGCTTCAGGTCCCTCCCGGAAGACTTTTG 360
LaFAE1      TA---CTAAGAATGTGTTTTTCCAATGTGATTGCTCTTTGGCCTCTTAGGTTTGAATCCTA 205
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      CGGCGGCGCGTGAAGAGACGGAGCAAGTTATCATTGGTGGGCTAGAAAATCTATTCAAGA 420
LaFAE1      CT-----CGAGAAGACTAATTTTAAAT-TTACTGGCAAAAATAGAAATCAATTTATAA 256
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      ACACCAACGTTAACCTTAAGATATAGGTATACCTTGTGGTGAAGTCAAGCATGTTTAAATC 480
LaFAE1      GTGTTTAAACAAATC--GATGGTATAACTG-ATTAGTGATCACTCTTAGGTT--TTGATC 311
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      CAACTCCATCGCTCTCCCGATGGTGGTTAACACTTTCAAGCTCGGAAGCAACGTAAGAA 540
LaFAE1      CAACTCGAGTATTG-----AGTATTGAACGCTTT-----TTTTAATAAATCTTGA 358
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      GCTTAACTTGGTGGCATGGGTTGTAGTGGCGGCTTATAGCCATTGATCTAGCAAGG 600
LaFAE1      TTTTAAA-ATGGTTTATTTGAGTAAAAAAGTTCTTAATAATTTCTCTT-TGTTTTAATGG 416
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      ACTTGTTCATGTCC-ATAAAAAATACGTATGCTCTTGTGGTGAGCAGAGAAACATCACT 659
LaFAE1      GTTGTGTTTGCATTTTATAAGGTTAAATTTTCTAATTTAAT-ATTTTATCTATCATGTC 475
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      TATAACATTTACGCTGGTGATAATAGGTCCATGATGGTTTCAAATTCCTTCTTCCGTGT 719
LaFAE1      CGTAAAGTTT-----TATTTGGCACAACCTTCTTTTA---CTTTCTACCTTATA 522
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      GGTGGGCGGCTTATTTTCTCTCTCAAGCGGCTGGAGATCTAGACGGTCAAGTACGAG 779
LaFAE1      ATTTGGGA-ACTGGTTCAGTCA-----AAGCGTACCGGACAAATATCTTTTATATTC 573
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      CTAGTTCACACGGTTTCAACGCGATACCGGAGCTGACGACAACTCTTTTCTTGGTSCAA 839
LaFAE1      -TTATTTA-AGAATTAACACTGATCTCATTAATTAGTCAGAGGC-----TAGGGAGATT 624
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

BnFAE1      CAAGGAGACGATGAGAACGGCAAAATCGGAGTGAATTTGTCCAAGGACATAACCGATGT 899
LaFAE1      CAGCCAATCAATGCTAACACAAAAATCTCTTAA--TGATCTAACGATGCTATTTAATAT 582
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

```

Figure 7 Continued: Alignment of *B.n.* and *La.* *FAE1* promoters

BnFAE1	GCTGGTCGAACGGTTAAGAAAAACATAGCAACGTTGGGTCCGTTGATTCTTCGGTTA-AG	958
LaFAE1	TCGGATCAGTATTCTTAAATAAGAATATAAA-----ACTAATTCATAGTTACAG	732
	* * * * *	
BnFAE1	CGAGAAACTTCTTTTTCGTTACCTTCATGGGCAAGAACTTTTCAAAGATAAAATCAA	1018
LaFAE1	ATAAAACTTATATAGACTTTTTTATTTG-GAATATAAAAGTATCAATATATTATAGACA	791
	* * * * *	
BnFAE1	ACATTACTACGTCGGGATTTCAAACTTCTATTGACCAATTTTGATACATGCCGGAGG	1078
LaFAE1	ATATTTATA-----ACGTTAAAAATACAAATTTATATTTTATATATTTTTCAAA	845
	* * * * *	
BnFAE1	CAGAGCCGTTGATTGATGTGCTAGAGAAGAACCTAGCCCTAGCACCGATCGATGTAGAGGC	1138
LaFAE1	TTGAAAAGCATTACTTCTATCGAAATGAATTTTAGT-----ATATTAATTAATATTTT	901
	* * * * *	
BnFAE1	ATCAAGATCAACGTTACATAGATTTGGAAACACTTCATCTAGCTCAATATGGTATGAGTT	1198
LaFAE1	AATCGGACTACTTTCTAT----TTTGGCACCTTTCATCTGACT-----ACT	944
	* * * * *	
BnFAE1	GGCATACATAGAAGCAAAAGGAAGGATGAAGAAAGGTAAATAAGTTTGGCAGATTGCTTT	1258
LaFAE1	AATTTATTTCAATGTGTATGCATGCATGAGCATGAGTAATA-----CACATGTCTAT	996
	* * * * *	
BnFAE1	AGGGTCAGGCTTTAAGTGTACAGTGCAGTTTGGGTGGCTCTAAACAATGTCAAAGCTTC	1318
LaFAE1	ATAAATGCATGTAAAACGTAACGG-ACCACAAAAGTGGATCCATACAAATACATCTCATC	1055
	* * * * *	
BnFAE1	GACAAATAGTCCTTGGGAACACTGCATCGACAGATACCGGTCAAAATTGATTCTGATT	1378
LaFAE1	G-CACCCCTCTCCGACACAAAACGTAACA-----	1082
	* * * * *	
BnFAE1	AGGTAAGTCAGAGACTCGTGTCCTAAAACGGTCGGTCCTAATAAACGATGTTTGCTCTCTT	1438
LaFAE1	-----	
BnFAE1	TCGTTTCTTTTATTTGTTATAATAATTTGATGGGTACGATGTTTCTCTTGTGTTATG	1498
LaFAE1	-----	
BnFAE1	AATAAAGAAATGCAATGGTGTCTAGTATTTGATGCTTTTACATGTATCTCTCTTATTT	1558
LaFAE1	-----	
BnFAE1	ACATGAAATTTTAAACGGCTAAAAAAGGGAATTCGG	1600
LaFAE1	-----	

Figure 8: Alignment of *B.n.* and *A.t.* *FAEI* promoters

CLUSTAL W (1.81) multiple sequence alignment

```

AtFAE1      -----
BnFAE1      GGTGGGCAATCTGACTTCACCAAGAAACAACGAGTCGTTATCCATCTCTCATAA 60

AtFAE1      -----
BnFAE1      GCATCGGTCCACTCTTTCCCTTCACCGTTTTGGTTGGTTCTCTACATCGCAACCCGGC 120

AtFAE1      -----
BnFAE1      CCAAACCGGTTTACCTCGTTGAGTACTCATGCTACCTTCCACCAACGCATTGTAGATCAA 180

AtFAE1      -----ACTCATAAA 10
BnFAE1      GTATCTCAAGGTCATGGATATCTTTTATCAAGTAAGAAAAGGTGATCTCTCTCGGAACG 240
              *** **

AtFAE1      ACTAGTAGATTGGTTGGT--TGGTTTCCATGTACCAGAAGGCTT-----ACCCTATTAGT 63
BnFAE1      GCACGTGCGATGACTCGTCGTGGCTTGACTTCTTGAGGAAGATTCAAGAACGTCAGGTC 300
              *  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      TGAAAGTTGAAACTT-TGTTCCCTACT--CAATTCCTAGTTGTGTAATGTATGTATATG 120
BnFAE1      TAGGCGATGAAACTCACGGGGCCGAGGGGCTGCTTCAGGTCCCTCCCGGAAGACTTTTG 360
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      TAATG-CGTATAAAACGTAGTACTTAAATGACTAGGAGTGGTTCTTGAGACCGATGAGAG 179
BnFAE1      CGGCGGCGCGTGAAGAGACGGAGC-AAGTTATCATTGGTGGCTAGAAAATCTATTCAAG 419
              *  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      A----TGGGAGCAGAAGCTAAAGATGATGACATAATTAAGAACGAATTTGAAAGGCTCTTA 235
BnFAE1      AACACCAACGTTAACCCCTAAAGATATAGGTATACTTGTGG-TGAAGTCAAGCATGTTTAA 478
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      GGTITGAATCCTATTGAGAAATGTTTTGTCAAAGATAGTGGCGA-TTTTGAACCAAGA 294
BnFAE1      ---TCCAAGTCCATCGCTCTCCGCGATGGTCTTAACACTTTCAAGCTCGGAAGCAACGT 535
              *  **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      AAACATTTAAAAATCAGTATCC--GGTTAC-GTTCATGCAA-ATAGAAAGTGGTCTAGG 350
BnFAE1      AAGAAGCTTTAACCTTGGTGGCATGGTTGTAGTGGCGCGCTTATAGCCATTGATCTAGC 595
              **  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      ATCTGATTGTAATTTTAGACTTAAAGAGTCTCTTAAGATTCAATCCTGGCTGTGTACAAA 410
BnFAE1      AAAGGACTT--GTTGCATGTCCATAAAAAATACGTATGCTCTTGTGGTGAGCACAGAGAAC 553
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      ACTACAAATAATATAT---TTTAGACTATTTGGCTTAACTAACTTCCACTCATTATTT 467
BnFAE1      ATCACTTATAACATTTACGCTGGTGATAATAGGTCCATGATGGTTTCAAATTCCTTGTTC 713
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      -----
BnFAE1      CGTGTGGTGGGGCGGCTATTTGCTCTCCAACAAG--CGTGGAGATCGTAGACGGTCCA 771
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      -----CE3-----
BnFAE1      ATAATTAGTCAGAGGGTATG--CCCATCAGATCTAAGAACGACGATTCGGTCAATTTTA 584
              AGTACGAGCTAGTTCACACGGTTGGAACGCATACCGGAGCTGACGACAAGTCTTTTCTT 831
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

AtFAE1      ATGCACATGTAATCATAGTTTAGCACAAATCAAAAATAATGTAGTATTAAGACAGAAAT 544
BnFAE1      CGGTGCACCAAGGAGACGATGAGAACGGCAAAATCGAGTGAGTTTGTCCAAGGACATAA 991
              *  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .  .

```

Figure 8 Continued: Alignment of *B.n.* and *A.L.* *FAE1* promoters

```

AtFAE1      TTGTAGACTTTTTTTGGCGTTAAAGGAAGACTAAG-----TTTATACGTACATTTTAT 698
BnFAE1      CCGATGTTGCTGGTCGAACGGTTAAGAAAAACATAGCAACGTTGGGTCGCTTGATTCTTC 951
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      T-TTAAGTGGAAAACCGAAATTTTCCAT-----CGAAATATATGAATTTAGTATATATA 751
BnFAE1      CGTTAAGCGAGAAACTTCTTTTTCGTTACCTTCATGGGCAAGAACTTTTCAAAGATA 1011
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

          G box 2
AtFAE1      TTTCTGCAATGTACTATTTTGCTATTTTGGCAACTTTCAGTGGACTACTTTAT-TAC 810
BnFAE1      AAATCAAACATTACTACGTCCCGGATTTCG-AACTTCTATTGACCATTTTGTATACAT 1070
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

          G-box 1
AtFAE1      AATGTGTATGGATGCATGAGTT-TGAGTATACACATGTCTAAATGCATGCTTTGCAAAAC 869
BnFAE1      GCCGGAGGCAGAGCCGTGATTGATGTCTAGAGAAGAACCTAGCCCTAGCACCAGATCGAT 1130
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      GTAACGG-ACCACAAAAGAGGATCCAT-----GCAAATACATCTCATAGCTTCCTCCAT 922
BnFAE1      GTAGAGGCATCAAGATCAACGTTACATAGATTGGAAACACTTCATCTAGCTCAATATGG 1190
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      TATTTTCCGACACAAACAGA-GCA----- 945
BnFAE1      TATGAGTTGGCATACATAGAAGCAAAAGGAAGGATGAAGAAAGGTAATAAAGTTTGGCAG 1250
          *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *  *

AtFAE1      -----
BnFAE1      ATTGCTTTAGGGTCAGGCTTTAAGTGTAAACAGTGCAGTTTGGGTGGCTCTAAACAATGTC 1310

AtFAE1      -----
BnFAE1      AAAGCTTCGACAAATAGTCCTTGGGAACACTGCATCGACAGATACCCGGTCAAAATTGAT 1370

AtFAE1      -----
BnFAE1      TCTGATTGAGGTAAAGTCAGAGACTCGTGTCAAAACGGTCGGTCTTAATAACGATGTTT 1430

AtFAE1      -----
BnFAE1      GCTCTCTTCTGTTTCTTTTATTTGTTATAATAATTTGATGGCTACGATGTTTCTCTTGT 1490

AtFAE1      -----
BnFAE1      TTGTTATGAATAAAGAATGCAATGGTGTCTAGTATTTGATTGTTTACATGTATGTATC 1550

AtFAE1      -----
BnFAE1      TCTTATTTACATGAAATTTTAAACGGCTAAAAAAGAAACGGGAATTCGG 1600

```